

## Danksagung

Herrn Prof. Dr. J. NIETHAMMER danke ich für die Überlassung des Themas, für die hilfreiche Betreuung der Arbeit und für die Beschaffung von Versuchstieren, die mir auch Herr Dr. R. HUTTERER, Bonn, Herr Dr. H. ENGELS, Coimbra, und Herr Dr. H.-J. PELZ, Münster, dankenswert zur Verfügung gestellt haben. Für gute Ratschläge zu den elektrophoretischen Arbeiten danke ich Herrn Prof. Dr. H. P. MÜLLER, Bonn, Herrn Prof. Dr. A. SCHOLL, Bern, und Herrn Prof. Dr. H. STEGEMANN, Braunschweig.

## Zusammenfassung

Die morphologisch zum Teil schwer unterscheidbaren 4 Arten der Gattung *Apodemus*: *A. sylvaticus*, *A. flavicollis*, *A. mystacinus* und *A. agrarius* wurden mit Hilfe des Isoproteinvergleichs eindeutig charakterisiert. Von 11 untersuchten Genloci waren zwischen *A. sylvaticus* und *A. flavicollis* vier, zwischen *A. sylvaticus* und *A. mystacinus* fünf, und zwischen *A. sylvaticus* und *A. agrarius* neun unterschiedlich. Über den Vergleich der Allelfrequenzen mit Hilfe des Ähnlichkeitskoeffizienten nach ROGERS (1972) ließen sich die genetischen Abstände zwischen den Arten schätzen. Dadurch konnte die taxonomische Gliederung der Gattung nach ZIMMERMANN (1962) bestätigt werden. Weiterhin wurden drei Waldmausp Populationen des europäischen Festlandes und zweier Inseln nach derselben Methode auf ihre genetische Verwandtschaft untersucht. Eine Korrelation zwischen genetischer Ähnlichkeit und geographischer Nähe der Populationen konnte festgestellt werden. Der Isoproteinvergleich ließ außerdem den Einfluß von Gendrift auf Inselpopulationen erkennen. Bei Tieren der Insel Mellum (ca. 1 km<sup>2</sup>) wurde Gendrift durch den geringen Polymorphiegrad der Genloci (P) und durch den geringen Heterozygotiegrad der Tiere (H) sichtbar. Die Population von Sardinien dagegen unterschied sich auf Grund ihrer H- und P-Werte kaum von den Festlandspopulationen.

## Literatur

- AMTMANN, E. (1965): Biometrische Untersuchungen zur introgressiven Hybridisation der Waldmaus (*Apodemus sylvaticus* Linné, 1758) und der Gelbhalsmaus (*Apodemus tauricus* Pallas, 1811). Z. zool. Syst. Évolut.-forsch. 3, 103–156.
- AVISE, J. C.; SMITH, M. H.; SELANDER, R. K.; LAWLOR, T. E.; RAMSEY, P. R. (1974): Biochemical polymorphism and systematics in the genus *Peromyscus*. V. Insular and mainland of the subgenus *Haplomylomys*. Syst. Zool. 23, 226–238.
- AYALA, F. J.; POWELL, J. R.; TRACEY, M. L.; MOURAO, C. A.; PEREZ-SALAS, S. (1972): Enzyme Variability in the *Drosophila willistoni* group. IV. Genic variation in natural populations of *Drosophila willistoni*. Genetics 70, 113–139.
- BOTHSCHAFTER, E. (1963): Biometrische Untersuchungen an Gelbhalsmäusen (*Apodemus tauricus* Pallas, 1811) und Waldmäusen (*Apodemus sylvaticus* Linné, 1758) aus dem Bayerischen Wald. Säugetierk. Mitt. 11, Sonderh. 2, 1–47.
- BREWER, G. J. (1967): Achromatic region of tetrazolium stained starch gels: Inherited electrophoretic variation. Am. J. Hum. Gen. 19, 674–680.
- BRITTON, J.; THALER, L. (1978): Evidence for the presence of two sympatric species of mice (genus *Mus* L.) in southern France based on biochemical genetics. Biochem. Gen. 16, 213–225.
- COHEN, B. L. (1960): Genetics of plasma transferrin in the mouse. Genet. Res. Camb. 1, 431–438.
- DEBROT, S.; MERMOD, C. (1977): Chimiotaxonomie du genre *Apodemus* Kaup, 1829 (Rodentia, Muridae). Revue Suisse de Zoologie 84, 521–526.
- LORENZO, R. J. DE; RUDDLE, F. H. (1970): Glutamat oxalacetat transaminase (GOT) genetics in *Mus musculus*: Linkage, polymorphism, and phenotypes of the GOT-1 and GOT-2. Loci. Biochem. Gen. 4, 259–273.
- ENGEL, W.; VOGEL, W.; VOICULESCU, I.; ROPERS, H.-H.; ZENZES, M. T.; BENDER, K. (1973): Cytogenetic and biochemical differences between *Apodemus sylvaticus* and *Apodemus flavicollis*, possibly responsible for the failure to interbreed. Comp. Biochem. Physiol. 44 B, 1165–1173.
- FELTEN, H. (1952): Untersuchungen zur Ökologie und Morphologie der Waldmaus (*Apodemus sylvaticus* L.) und der Gelbhalsmaus (*Apodemus flavicollis* Melchior) im Rhein-Main-Gebiet. Bonn. Zool. Beitr. 3, 187–367.
- FELTEN, H.; STORCH, G. (1970): Kleinsäuger von den italienischen Mittelmeer-Inseln Pantelleria und Lampedusa (Mammalia). Senckenbergiana biol. 52, 381–392.
- HARRIS, H.; HOPKINSON, D. (1972): Average heterozygosity in man. J. Hum. Genet. 36, 9–20.
- HENDERSON, N. S. (1965): Isozymes of isocitrat dehydrogenase: subunit structure and intracellular location. J. Exp. Zool. 158, 263–274.
- JOHNSON, E. W.; SELANDER, R. K. (1971): Protein variation and systematic in kangaroo rats (genus *Dipodomys*). Syst. Zool. 20, 377–405.

- KAHMANN, H.; NIETHAMMER, J. (1971): Die Waldmaus (*Apodemus*) von der Insel Elba. *Senckenbergiana biol.* **52**, 381–382.
- MAURER, R. (1968): Disk-Elektrophorese. Berlin: Walter de Gruyter und Co.
- NEVO, E. (1978): Genetic variation in natural populations: pattern and theory. *Theoretical Population Biology* **13**, 121–177.
- NEVO, E.; KIM, Y. J.; SHAW, CH. R.; THAELER, jr., CH. S. (1973): Genetic variation, selection and speciation in *Thomomys talpoides* pocket gophers. *Evolution* **28**, 1–23.
- NIETHAMMER, J. (1969): Zur Frage der Introgression bei den Waldmäusen *Apodemus sylvaticus* und *A. flavicollis* (Mammalia, Rodentia). *Z. zool. Syst. Evolut.-forsch.* **7**, 77–127.
- NIETHAMMER, J.; KRAPP, F. (1978): Handbuch der Säugetiere Europas. Wiesbaden: Akademische Verlagsges.
- PATTON, J. L.; SELANDER, R. K.; SMITH, M. H. (1972): Genic variation in hybridizing populations of gophers (genus *Thomomys*). *Syst. Zool.* **21**, 263–270.
- RIETSCHEL, S.; STORCH, G. (1973/74): Außergewöhnlich erhaltene Waldmäuse (*Apodemus atavus* Heller, 1963) aus dem Ober-Pliozän von Willershäusen am Harz. *Senckenbergiana lethaea* **54**, 491–519.
- ROGERS, J. S. (1972): Measure of genetic similarity and genetic distance. *Studies in Genetics VII*. Univ. Tex. Publ. **7213**, 145–153.
- RUDDLE, F. H.; SHOWS, TH. B.; RODERICK, TH. H. (1968): Autosomal control of an electrophoretic variant of glucose-6-phosphat dehydrogenase in the mouse (*Mus musculus*). *Genetics* **58**, 599–606.
- SELANDER, R. K.; GRAINGER, W. H.; YANG, S. Y. (1969): Protein polymorphism and genetic heterozygosity in two european subspecies of the house mouse. *Evolution* **23**, 379–390.
- SELANDER, R. K.; SMITH, M. H.; YANG, S. Y.; JOHNSON, W. E.; GENTRY, G. B. (1971): Biochemical polymorphism and systematics in the genus *Peromyscus*. I. Variation in the old-field mouse (*Peromyscus polionotus*). Univ. Tex. Publ. **7103**, 49–90.
- SHAW, CH. R.; PRASAD, R. (1970): Starch gel electrophoresis of Enzymes – a compilation of recipes. *Biochemical Genetics* **4**, 297–320.
- SHOWS, TH. B.; CHAPMAN, V. M.; RUDDLE, F. H. (1970): Mitochondriale malat dehydrogenase und malic enzyme: mendelian inherited electrophoretic variants in the mouse. *Biochem. Gen.* **4**, 707–818.
- SOKAL, R. R.; SNEATH, P. H. A. (1973): Principles of numerical taxonomy. San Francisco: W. H. Freeman.
- STEGEMANN, H. (1977): Elektrophorese und Fokussieren in Platten. Rundschreiben.
- STRAETEN, E. VAN DER (1976): Maatgegevens van *Apodemus sylvaticus* (Linnaeus, 1758) en *Apodemus flavicollis* (Melchior, 1834) in België. *Lutra* **18**, 15–22.
- WITTE, G. (1964): Introgression bei *Apodemus flavicollis* und *A. sylvaticus*. Biometrische Untersuchungen an *Apodemus*-Populationen des Monte-Gargano (Süditalien). *Bonn. Zool. Beitr.* **15**, 159–177.
- ZIMMERMANN, K. (1962): Die Untergattungen der Gattung *Apodemus* Kaup. *Bonn. Zool. Beitr.* **13**, 138–208.

*Anschrift des Verfassers:* Dr. HUBERT GEMMEKE, Zoologisch und Vergleichend Anatomisches Institut der Universität Bonn, Poppelsdorfer Schloß, D-5300 Bonn

# Zur Biometrie und Taxonomie von Hausmäusen (Genus *Mus* L.) aus dem Mittelmeergebiet

Von H. ENGELS<sup>1</sup>

Eingang des Ms. 14. 1. 1980

## Abstract

*Biometry and taxonomy of House Mouse populations (Genus Mus L.) from the Mediterranean region*  
Studied 12 populations of mice (Genus *Mus* L.) from the Mediterranean region, Asia Minor, and Afghanistan. By canonical analysis and allometry methods four clusters of mice were separated being different in skull-measures:

1. *Mus spretus* from the Iberian Peninsula, Morocco, and Tunisia;
2. *Mus (musculus) spicilegus* from Austria;
3. Longer tailed, commensal mice, *Mus musculus domesticus* from West Germany, *M. m. brevirostris* from the Iberian Peninsula, and *M. m. praetextus* from Sicily and Cyprus;
4. Shorter tailed, feral mice from Greece and Turkey, and longer tailed, commensal specimens from Afghanistan.

The Euclidean distances in discriminant space between Mediterranean species and subspecies reflect fairly well the isozymatic distances between similar populations investigated by BONHOMME et al. (1978).

Isoenzym-Untersuchungen an westmediterranen Hausmäusen durch BRITTON et al. (1976), SAGE (1977) und BONHOMME et al. (1977, 1979) sowie Kreuzungsversuche (BONHOMME et al. 1978; PELZ und NIETHAMMER 1978) haben ergeben, daß die dort lebende Freilandform eine von der im gleichen Gebiet kommensal vorkommenden Hausmaus *Mus musculus* abweichende Art, *Mus spretus*, darstellt. BONHOMME et al. (1978) fanden ähnlich große enzymatische Unterschiede, wie sie zwischen *spretus* und sympatrischen *Mus musculus* bestehen, auch zwischen griechischen freilebenden Hausmäusen und *spretus* sowie griechischen freilebenden und kommensalen Hausmäusen. Danach ist die griechische Freilandform wahrscheinlich eine weitere Art.

Morphologische Unterschiede sind bisher vor allem in äußeren Merkmalen bekannt (Freilandformen kurzschwänzig, Kommensalform langschwänzig) sowie in der Färbung. Wenn die drei Gruppen reproduktiv isolierte Taxa darstellen, sind aber auch Schädelunterschiede zu erwarten, die bisher nicht bekannt sind.

Deshalb soll in der vorliegenden Arbeit versucht werden, mit Hilfe einer kanonischen Diskriminanzanalyse nach BARTLETT (1938) die durch die zitierten Arbeiten sich abzeichnenden Taxa zu reproduzieren und die Position weiterer Populationen zu beurteilen. Ferner sollen bei NIETHAMMER (1956) als Bastarde zwischen *spretus* und *Mus musculus brevirostris* angesehene Tiere aus Südportugal daraufhin überprüft werden, ob es sich wirklich um intermediäre Tiere handelt.

## Material und Methoden

Für die Untersuchung standen über 500 Bälge und Schädel von Hausmäusen aus Südeuropa, Nordafrika, der Türkei und Afghanistan aus den Sammlungen Museum A. Koenig, Bonn, Naturhistorisches

<sup>1</sup> Mit Unterstützung durch die Deutsche Forschungsgemeinschaft.

Museum Wien, J. NIETHAMMER und H. ENGELS zur Verfügung. Sie wurden nach Ausschluß junger, geographisch isolierter und unvollständiger Tiere entsprechend Tab. 1 in 12 Populationen gegliedert.

Folgende Exemplare wurden nachträglich eingeordnet: 6 aus Kreta, 1 aus Marokko, 4 aus Libyen, 60 aus Südspanien und Südportugal.

Für die Zuordnung zur *spretus* und *brevirostris* waren Fangplatz (Haus oder Freiland) und relative Schwanzlänge maßgeblich.

Tabelle 1

Anzahl, Herkunft und Zugehörigkeit der in der Diskriminanzanalyse verwendeten Hausmäuse

Nr.	Bisheriger Unterartname	Ökotyp	Herkunft	Signum	N
1	<i>spretus</i>	Freiland	Spanien u. Portugal	SP + P	33
2	<i>brevirostris</i>	kommensal	Spanien u. Portugal	SP + P	33
3	<i>spretus</i>	Freiland	Südspanien	SP	22
4	<i>praetextus</i>	Freiland	Sizilien	SI	26
5	<i>spretus</i>	Freiland	Tunesien	TU	11
6	<i>spretus</i>	Freiland	Marokko	MA	14
7	<i>domesticus</i>	kommensal	Rheinland (Deutschl.)	RH	7
8	<i>spicilegus</i>	Freiland	Burgenland (Österreich)	BU	23
9	<i>bactrianus</i>	kommensal	Afghanistan	AF	16
10	?	?	Türkei	TÜ	36
11	<i>spicilegus</i>	Freiland	Griechenland	GR	8
12	<i>praetextus</i>	Freiland	Zypern	ZY	16

Die Unterartbezeichnungen für Europa entsprechen denen bei REICHSTEIN (1978), da eine nomenklatorische Neuregelung beim gegenwärtigen Wissensstand noch nicht möglich ist. Die in der Spalte „Signum“ angegebenen Buchstaben kehren in den Diagrammen wieder.

An jedem der fast 250 Tiere der Tab. 1 wurden die folgenden 16 Maße und ein qualitatives Merkmal genommen:

1. Kopfrumpflänge (KR), laut Etikett; 2. Schwanzlänge (SL), laut Etikett; 3. Condylbasallänge (CBL); 4. Zygomatiche Breite; 5. Obere Zahnreihenlänge, an den Kronenrändern gemessen (OZR); 6. Interorbitalbreite; 7. Palatallänge; 8. Inzisivenbreite: Durchmesser der oberen Inzisiven in Schädelrichtung; 9. Nasiallänge; 10. Länge der Foramina incisivi; 11. Hirnkapselbreite: Breite über den Jochbogenansätzen der Squamosa; 12. Diastemalänge; 13. Länge der ersten oberen Molaren an den Kronenrändern ( $M^1$ ); 14. Breite der  $M^1$  ( $BM^1$ ); 15. Länge von  $M^2 + M^3$  an den Kronenrändern ( $M^2 + M^3$ ); 16. geringster Abstand zwischen den ersten oberen Molaren ( $AM^1$ ); 17. Kerbe an den oberen Inzisiven, sogenannter Einbiß.

Der Grad der Einkerbung (17) wurde wie folgt bewertet: keine Kerbe 0,33; stumpfwinkelige Kerbe 0,66; deutlich rechtwinkelige Kerbe oder Doppelkerbe 0,99.

Die Maße wurden für eine kanonische Diskriminanzanalyse verwendet. Diese wurde am Rheinischen Rechenzentrum Bonn durchgeführt. Das zugehörige Computerprogramm ist DAVIES (1971) entnommen. Außerdem wurden die divariaten Streuungsellipsen nach REMPE (1961) berechnet.

## Ergebnisse

Die verglichenen Populationen überschneiden sich in allen Einzelmaßen beträchtlich (Tab. 2). Die Diskriminanzanalyse führt zu einer wesentlich besseren Trennung. In Abb. 1 sind hierbei alle 17 Merkmale berücksichtigt. Jede der 12 Populationen ist durch ihren Schwerpunkt in der Fläche der beiden ersten kanonischen Achsen markiert. Da diese beiden Achsen bereits 75% der möglichen Diskrimination erbringen, habe ich mich auf sie beschränkt. In Richtung der 1. Achse ergeben sich zwei Gruppen, nämlich a) alle *spretus*-Populationen und b) die übrigen Hausmäuse. Innerhalb *spretus* liegen erwartungsgemäß jeweils die beiden Populationen aus Nordafrika und von der Iberischen Halbinsel enger beieinander. Die zweite kanonische Achse führt zur weiteren Auftrennung der restlichen Populationen. Eine Gruppe besteht hier aus *brevirostris*, *domesticus* und *praetextus*. Auch die nachträglich be-

Tabelle 2  
Population (N)

Mafte	●Sp+P(33)	○Sp+P(33)	Sp(27)	SIz(26)	TU(11)	MA(14)	RH(7)	BU(23)	AF(16)	TU(36)	GR(8)	ZY(16)	LI(3)	KR(6)	EV1	EV2
KR	73.26	82.62	80.44	76.53	75.77	74.00	87.28	78.00	78.81	85.91	80.00	80.00	72.75	79.42	-0.001	-0.002
SL	4.57	6.54	6.11	5.34	4.05	3.94	3.40	5.96	7.42	7.57	4.47	3.96	8.77	6.71	0.017	-0.001
	59.82	79.47	60.25	74.65	62.72	64.28	85.21	66.88	75.93	77.72	64.75	72.12	71.00	73.25		
CBL	4.45	5.66	4.44	4.51	6.35	3.83	2.82	5.40	6.73	7.73	2.71	4.33	7.44	3.43		
	19.81	19.57	20.21	19.81	19.74	19.95	20.60	18.89	21.10	21.55	20.42	20.08	19.03	19.50		0.008
ZYG	0.73	0.65	0.79	0.72	0.75	0.69	0.33	0.71	0.78	0.88	0.37	0.65	0.39	1.32		
	11.02	10.86	11.25	11.00	11.02	10.56	11.42	10.72	11.73	12.01	11.53	11.17	10.95	11.22	-0.001	0.014
OZR	3.35	3.17	3.43	3.19	3.42	3.36	3.28	3.16	3.42	3.45	3.43	3.24	3.34	3.25	-0.260	-0.353
	0.12	0.11	0.13	0.11	0.16	0.11	0.08	0.10	0.10	0.11	0.09	0.08	0.05	0.10		
IOB	3.49	3.54	3.46	3.57	3.50	3.48	3.66	3.47	3.64	3.60	3.61	3.55	3.67	3.53	0.186	0.0
	0.10	0.10	0.13	0.09	0.14	0.07	0.08	0.11	0.11	0.12	0.10	0.11	0.10	0.08		
PAL	10.66	10.54	11.25	10.79	10.75	10.98	11.10	10.10	11.58	11.87	11.16	10.74	10.60	10.75	0.070	0.133
	0.40	0.42	0.51	0.40	0.47	0.42	0.27	0.37	0.53	0.59	0.20	0.36	0.64	0.69		-0.260
ICB	1.10	1.02	1.14	1.02	1.07	1.09	1.04	1.01	1.14	1.14	1.12	1.02	1.02	1.06	0.012	-0.018
	0.07	0.06	0.08	0.06	0.09	0.07	0.07	0.06	0.09	0.09	0.04	0.07	0.13	0.10		
NASL	7.74	7.62	7.96	7.77	7.59	7.64	8.08	7.16	8.19	8.37	7.90	7.64	7.61	7.66	0.064	-0.018
	0.40	0.32	0.38	0.34	0.43	0.30	0.14	0.43	0.43	0.64	0.21	0.37	0.55	0.58		
FOIL	4.96	4.92	4.79	4.97	5.03	4.94	4.93	4.64	5.28	5.41	5.02	5.11	4.69	4.99	0.056	-0.023
	0.25	0.19	0.26	0.27	0.23	0.26	0.12	0.18	0.25	0.24	0.21	0.27	0.19	0.33		
HKB	9.52	9.67	9.58	9.77	9.56	9.48	9.94	9.39	10.00	9.98	9.88	9.73	9.80	9.87	0.139	0.079
	0.18	0.24	0.21	0.22	0.35	0.25	0.15	0.19	0.26	0.23	0.15	0.19	0.14	0.23		
DIAL	5.40	5.23	5.35	5.28	5.36	5.51	5.56	4.88	5.68	5.83	5.48	5.37	5.23	5.20	-0.002	0.008
	0.27	0.24	1.04	0.23	0.22	0.24	0.11	0.23	0.29	0.28	0.14	0.24	0.40	0.41		
M <sup>1</sup>	1.82	1.78	1.87	1.79	1.87	1.81	1.85	1.72	1.91	1.89	1.87	1.77	1.90	1.85	-0.323	0.423
	0.07	0.07	0.07	0.07	0.07	0.09	0.06	0.08	0.08	0.07	0.06	0.06	0.05	0.06		
BM <sup>1</sup>	1.07	1.11	1.09	1.13	1.14	1.08	1.12	1.02	1.14	1.16	1.20	1.10	1.18	1.10	0.648	0.392
	0.04	0.04	0.04	0.03	0.05	0.03	0.04	0.05	0.05	0.05	0.03	0.03	0.01	0.04		
M <sup>2+3</sup>	1.63	1.50	1.65	1.49	1.64	1.64	1.52	1.54	1.62	1.68	1.67	1.56	1.49	1.51	-0.070	0.669
	0.05	0.08	0.07	0.06	0.08	0.05	0.06	0.04	0.07	0.07	0.06	0.07	0.04	0.05		
AM <sup>1</sup>	2.40	2.14	2.43	2.19	2.19	2.44	2.27	2.22	2.46	2.35	2.45	2.26	2.15	2.34	-0.328	0.051
	0.13	0.11	0.16	0.15	0.11	0.14	0.11	0.15	0.14	0.12	0.09	0.17	0.15	0.20		
Einbiß	0.36	0.88	0.39	0.98	0.36	0.42	0.99	0.93	0.72	0.93	0.90	0.90	0.99	0.99	0.461	0.025
	0.10	0.20	0.16	0.0	0.09	0.15	0.0	0.16	0.30	0.14	0.15	0.19	0.0	0.0		

Arithmetische Mittel und Standardabweichungen für 2 Körpermaße und 15 Schädelmaße von 14 Hausmauspulationen. In Klammern hinter den Abkürzungen für die Populationen ist die Anzahl der vermessenen Tiere pro Population angegeben. Die Abkürzungen für die Maße und für die Populationen sind in Material und Methoden erklärt. EV1 = der erste Eigenvektor für die Diskriminanzanalyse mit 17 Variablen; EV2 = der zweite Eigenvektor für diese Analyse. Population 1 (●) = *M. spretus*; Population 2 (○) = *M. m. brevicrostris*.

werteten Tiere aus Libyen und von Kreta sowie eine langschwänzige Hausmaus aus Marokko gehören hierher. Von dieser Gruppe entfernt liegt *spicilegus* aus dem Burgenland. Eine weitere Gruppe bilden die griechischen, türkischen und afghanischen Hausmäuse. Abb. 2 gibt die euklidischen Abstände zwischen den Populationen im Diskriminanzraum wider. Diese ähneln in ihren Relationen durchaus den von BONHOMME et al. (1978) berechneten genetischen Unterschieden, wenn man *spicilegus* aus dem Burgenland und Ungarn oder *brevirostris* aus Südfrankreich und Spanien als gleich betrachtet.

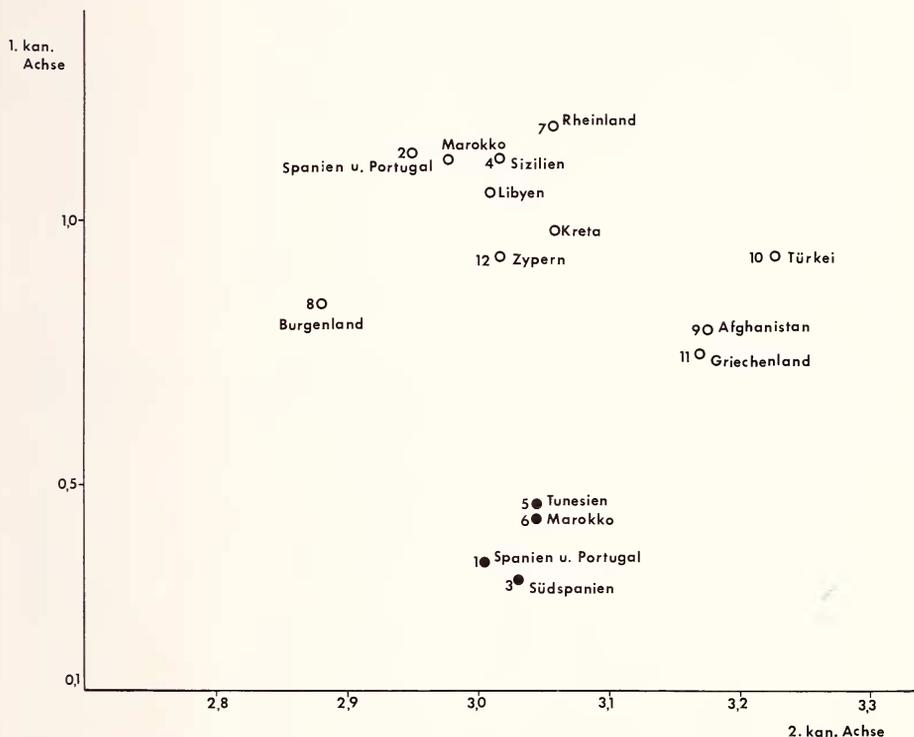


Abb. 1. Schwerpunkte der Häufigkeitsschwärme von 15 Hausmauspopulationen im Diskriminanzraum nach Verwendung von 17 Merkmalen. *Mus spretus* ist durch geschlossene Kreise gekennzeichnet. (Merkmale und Abkürzungen sind in Material und Methoden aufgeführt)

Da in die Diskriminanzanalyse auch Merkmale eingegangen sind, die primär zur Unterscheidung von *spretus* gegenüber *brevirostris* gedient haben, wurden diese in zwei Schritten (Abb. 3 und 4) eliminiert. Nachdem Kopfrumpf- und Schwanzlänge (Abb. 3) und Zahnkerbe (Abb. 4) nicht mehr bewertet wurden, beschränkt sich die Analyse auf einen Satz unabhängiger Maße und enthält auch das schlecht quantifizierbare Zahnkerbenmerkmal nicht mehr. Abb. 3 zeigt, daß sich die vier Gruppen fast genauso deutlich abzeichnen, wenn Kopfrumpf- und Schwanzlänge fortgelassen wurden. Verzichtet man auch auf das Merkmal der Zahnkerbenausprägung, setzen sich tunesische *Mus spretus* stärker in Richtung auf *Mus musculus* ab. Außerdem nähern sich nun die griechischen Hausmäuse der *spretus*-Gruppe.

Abschließend soll überprüft werden, welche Einzelmaße besonders zur Trennung der vier aufgrund der Diskriminanzanalyse gebildeten Gruppen dienen können.

Die relative Schwanzlänge ist schon lange als brauchbares Unterscheidungsmerkmal zwischen *Mus musculus brevirostris* und *Mus spretus* oder zwischen *Mus musculus domesticus*

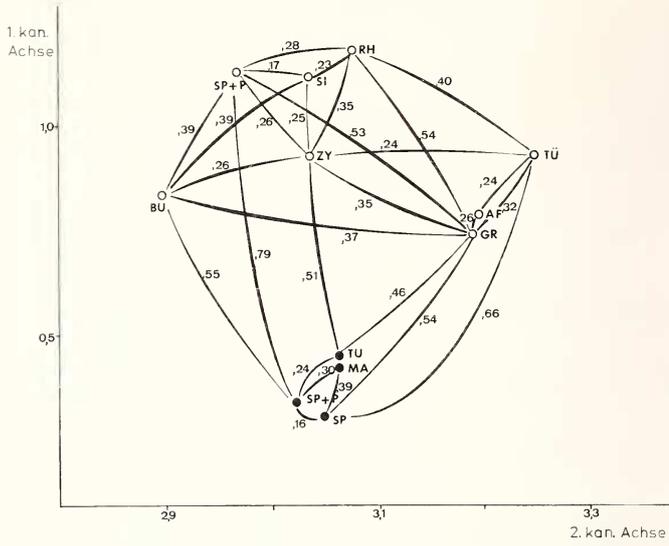


Abb. 2. Beträge der euklidischen Abstände zwischen den Schwerpunkten der Häufigkeitsschwärme von 12 Hausmauspopulationen im Diskriminanzraum nach Verwendung von 17 Merkmalen

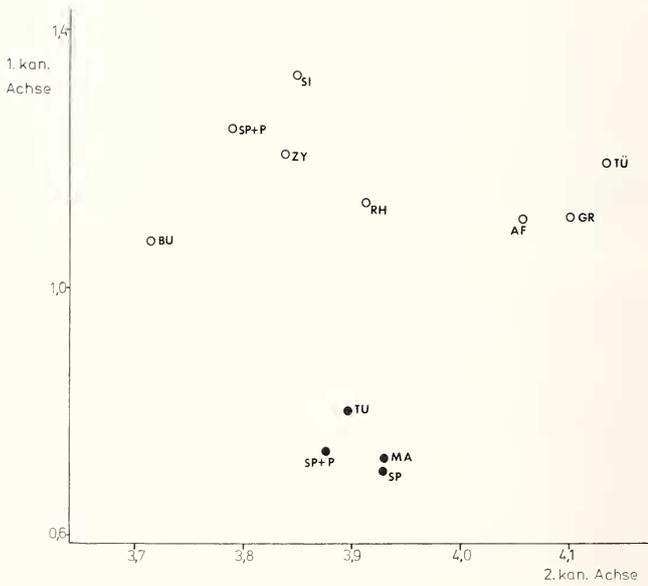


Abb. 3. Schwerpunkte der Häufigkeitsschwärme von 12 Hausmauspopulationen im Diskriminanzraum nach Verwendung von 15 Schädelmerkmalen.

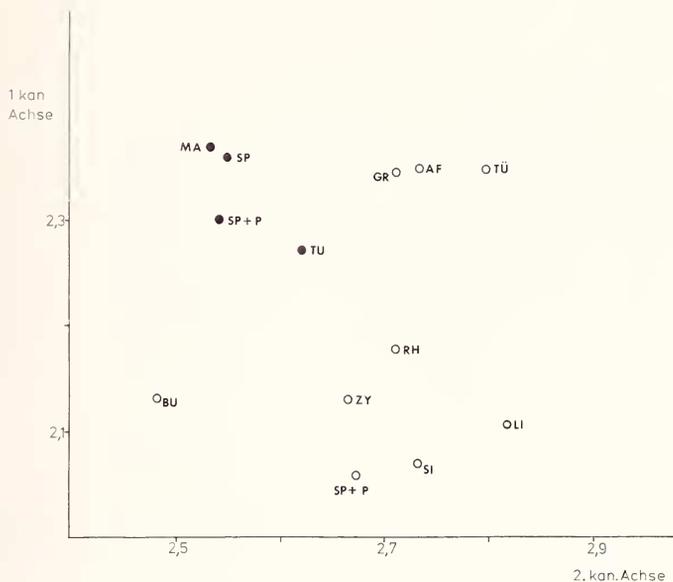


Abb. 4. Schwerpunkte der Häufigkeitsschwärme von 13 Hausmauspopulationen im Diskriminanzraum nach Verwendung von 14 Schädelmerkmalen

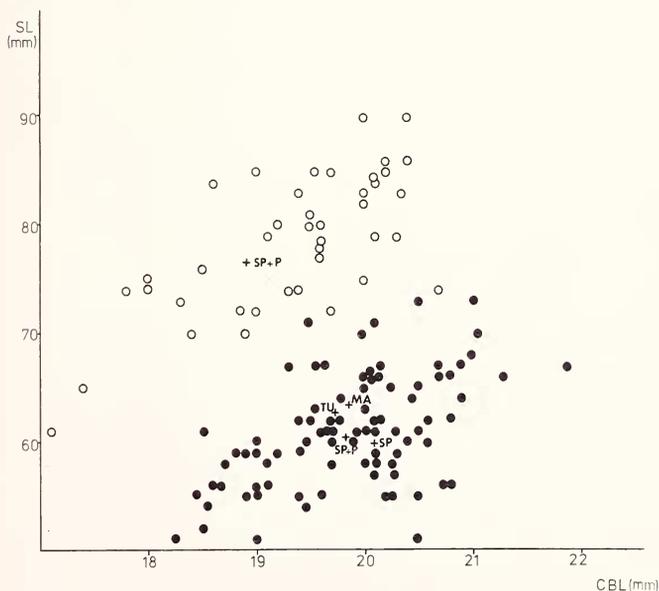


Abb. 5. Divariante Häufigkeitsellipsen von *Mus spretus* und *Mus musculus brevirostris* für die Maße Condylbasallänge (CBL) und Schwanzlänge (SL). *Mus spretus* ist durch geschlossene Kreise gekennzeichnet

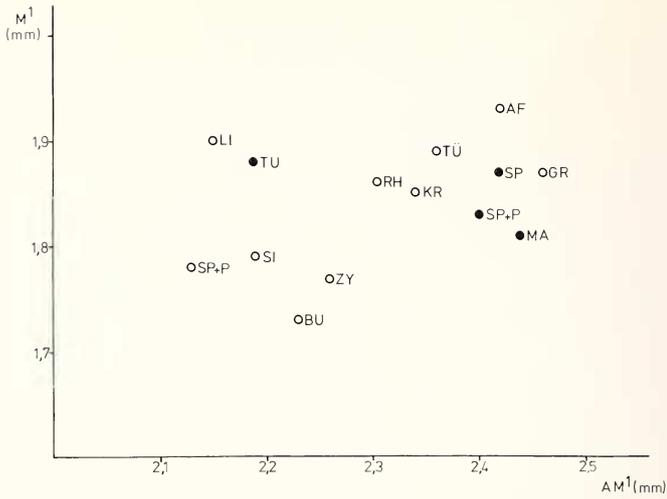


Abb. 6. Schwerpunkte der Häufigkeitsellipsen von 13 Hausmauspopulationen für die Maße „Abstand zwischen den ersten oberen Molaren“ ( $AM^1$ ) und „Länge des  $M^1$ “ ( $M^1$ ). *Mus spretus* ist durch geschlossene Kreise gekennzeichnet

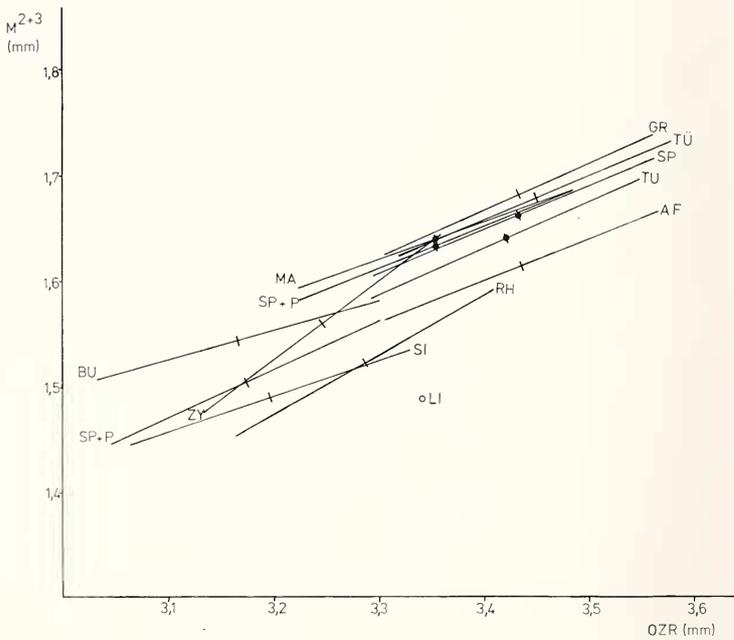


Abb. 7. Hauptachsen zu den Häufigkeitsellipsen von 12 Hausmauspopulationen für die Maße „Obere Zahnreihenlänge“ (OZR) und „Länge von  $M^{2+3}$ “. Für die libysche Population ist nur der Schwerpunkt der Ellipse eingetragen

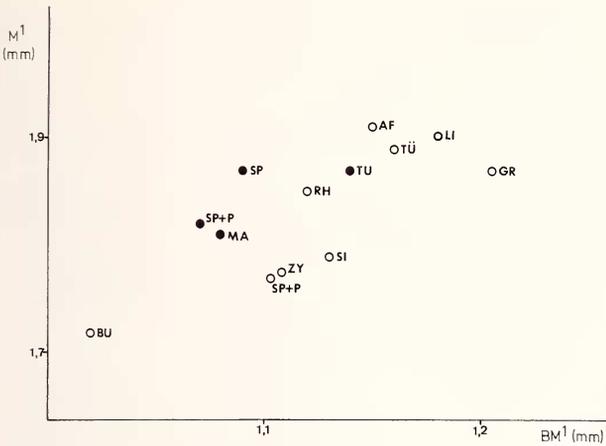


Abb. 8. Schwerpunkte zu den Häufigkeitsellipsen von 13 Hausmauspopulationen für die Maße „Breite des  $M^1$ “ ( $BM^1$ ) und „Länge des  $M^1$ “ ( $M^1$ ). *Mus spretus* ist durch geschlossene Kreise gekennzeichnet

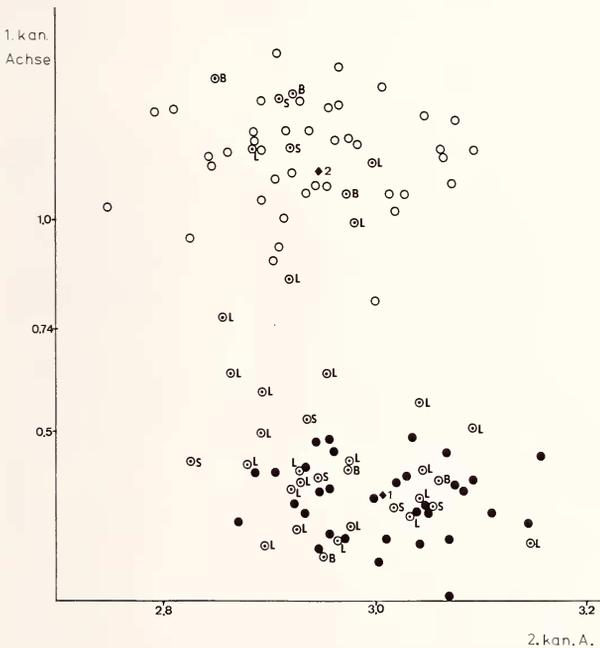


Abb. 9. Punkteschwärme von *M. m. brevisrostris* aus Spanien und Portugal (offene Kreise) und *Mus spretus* (geschlossene Kreise) aus Porto Covo in Südportugal im Diskriminanzraum sowie fraglicher Populationen aus Lagos, Südportugal (L), Bejar (Salamanca, Spanien) (B) und Sines, Südportugal (S). Die Individuen der drei letzten Populationen sind durch offene Kreise mit Punkt gekennzeichnet

und *M. m. musculus* einschließlich *M. m. spicilegus* bekannt. Das gilt auch, wenn man sie statt auf die Körperlänge auf die Condylbasallänge bezieht (Abb. 5). Griechische Freilandhausmäuse, burgenländische *spicilegus* und *spretus* können danach jedoch nicht unterschieden werden.

Die Gaumenbreite ( $AM^1$ ) ist im Verhältnis zur  $M^1$ -Länge bei iberischen und marokkanischen *spretus* groß, bei *brevisrostris* gering. Der Trennwert des Maßpaares wird jedoch unter anderem dadurch fragwürdig, daß sich darin libysche *Mus musculus* und tunesische *Mus spretus* fast gleichen, die beide lange  $M^1$  und schmale Gaumen besitzen (Abb. 6).

Schon HEROLD und ZIMMERMANN (1960) haben gezeigt, daß *Mus musculus domesticus* stärker zur Reduktion der  $M^3$  neigt als andere Formen europäischer Hausmäuse. Dies sollte sich in einer Verkürzung von  $M^2 + M^3$  im Vergleich zur Länge der gesamten Zahnreihe ä-